第40卷 第12期
2023年12月
干 旱 区 研 究
ARID ZONE RESEARCH
Vol. 40 No. 12
Dec. 2023

科尔沁沙地水盐处理对油莎豆农田土壤细菌群落及植株生理特性的影响

吴 蕊[1,2,3]， 曹红雨[1,2,3]， 高广磊[1,2,3]， 于明含[1,2,3]，
丁国栋[1,2,3]， 张 英[1,2,3]， 赵珮杉[1,2,3]

（1. 北京林业大学水土保持学院林业生态工程教育部工程研究中心，北京 100083；2. 宁夏盐池毛乌素沙地生态系统国家定位观测研究站，宁夏 盐池 751500；3. 水土保持国家林业和草原局重点实验室，北京 100083）

摘 要：为揭示水盐处理下科尔沁沙地土壤细菌群落结构及其对油莎豆（*Cyperus esculentus*）的影响。以吉林省前郭尔罗斯灌区油莎豆农田为研究对象，开展水、盐双因素（水处理：50%、70%、100%标准灌溉定额；盐处理：无盐胁迫、轻度盐胁迫、中度盐胁迫）随机区组野外控制试验，构建土壤细菌分子生态网络筛选关键菌种，并研究揭示其与油莎豆生长的相互关系。结果表明：（1）油莎豆农田土壤细菌优势菌门为变形菌门（Proteobacteria）（22.85%±3.80%）、酸杆菌门（Acidobacteriota）（20.02%±3.21%）和放线菌门（Actinobacteriota）（18.85%±2.41%）。优势菌属为RB41属、鞘氨醇单胞菌属（*Sphingomonas*）和红色杆菌属（*Rubrobacter*）。水盐环境对土壤细菌Alpha多样性无显著影响（$P > 0.05$）。（2）100%标准灌溉定额灌溉处理细菌种间共存关系更强，50%标准灌溉定额灌溉处理细菌种间互作程度、连接紧密度最高。无盐胁迫细菌群落生态网络复杂度、互作程度最高，中度盐胁迫细菌物种之间的共存关系更强。（3）随灌溉量增加，关键菌群数量增加，中度盐胁迫关键菌群数量达到最大。水盐处理下油莎豆土壤关键菌种为红色杆菌属、RB41属、*Dongia*属、类固醇杆菌属（*Steroidobacter*）、硝化螺旋菌属（*Nitrospira*）、鞘氨醇单胞菌属、溶杆菌属和*Luteolibacter*属。（4）灌溉量变化对油莎豆株高、冠幅、分蘖数、地上干重、羧化酶、脯氨酸和超氧物歧化酶活性具有显著影响（$P < 0.05$）；施盐量变化对油莎豆的株高、地上干重、脱落酸、可溶性糖、过氧化物酶活性和丙二醛具有显著影响（$P < 0.05$）。鞘氨醇单胞菌属、硝化螺旋菌属、溶杆菌属、*Dongia*属、RB41属、类固醇杆菌属和*Luteolibacter*属与油莎豆生长生理性状显著相关（$P < 0.05$）。水盐环境改变了土壤细菌群落组成、分子网络及关键菌种，关键菌种则与油莎豆生长生理特征具有显著相关性。研究结果有助于深入揭示水盐生境下油莎豆农田土壤细菌群落结构及其生态功能，为油莎豆适应性种植和稳产高产提供理论依据。

关键词：水盐处理；细菌群落结构；关键菌种；共现网络；油莎豆；科尔沁沙地

土壤干旱和盐碱化显著降低作物产量，严重危害农业可持续发展，是事关国家粮食安全的重大问题[1]。油莎豆（*Cyperus esculentus*）是近年来我国新兴的引种作物，对于土壤干旱和盐碱环境具有较好的适应性[2]。但是，随干旱和盐碱程度的加深，油莎豆也表现出生长缓慢，产量下降等问题[3]。土壤细菌作为土壤微生物中数量、种类最多的类群，深刻影响着生态系统的稳定、调节和修复过程[4]。国内外研究普遍证实，土壤细菌定殖于植物根际或根际圈，可以有效增强植物对于干旱和盐碱环境的抗逆性和适应性[5-6]。研究发现，部分功能性土壤细菌可诱导产生植物激素，促进植物根系生长发育，显著提高植物对于水分和养分的吸收利用率，增加植物对于干旱环境的耐受力[7]。另一方面，部分具有促生功能的土壤细菌还能够释放钾元素平衡植物细胞渗透压，显著缓解植物承受的盐碱胁迫[8-9]。耐盐植物搭配耐盐根际促生菌已经成为改良盐碱土，恢复盐碱地植被，提高作物产量的重要技术手段[10-11]。因

收稿日期：2023-04-30； **修订日期**：2023-08-14
基金项目：国家重点研发计划项目“沙漠化土地油沙豆适沙抗旱耐盐品种选育与适应性机制研究”（2019YFC0507601）
作者简介：吴蕊（2000-），女，硕士研究生，主要从事荒漠化防治相关研究. E-mail：wurui340828@bjfu.edu.cn
通讯作者：高广磊. E-mail：gaoguanglei@bjfu.edu.cn

此,土壤细菌是解决土壤干旱和盐碱化问题领域极具发展潜力的新兴途径[12]。近年来,越来越多的研究发现,土壤细菌之间并不是相互独立的,而是存在互利、拮抗等复杂的相互关系,这种相互关系调控着土壤细菌群落各种复杂的生态功能[13]。随土壤干旱和盐碱程度的变化,土壤细菌群落结构和相互关系也会随之发生变化,环境压力诱发土壤细菌功能菌群、有益菌群和有害菌群比例平衡失调[14-15]。在这一过程中,土壤细菌群落中的关键菌种往往能够驱动微生物群落构建过程,维持群落稳定性,并发挥重要的生态功能[16-18]。因此,土壤细菌群落的菌种互作关系、关键菌种识别以及生态功能成为相关研究的前沿和热点问题[19]。那么,在油莎豆受胁迫过程中,土壤细菌群落结构以及菌种间相互关系如何变化?是否存在关键菌种?又有哪些关键菌种影响油莎豆生长?以上问题亟待进一步研究。综上,以吉林省前郭尔罗斯灌区油莎豆农田为研究对象,开展随机区组控制试验模拟不同水盐生境,研究揭示不同水盐处理下油莎豆农田土壤细菌群落结构,厘清土壤细菌菌种间互作关系,找到土壤细菌群落关键菌种并阐明其对油莎豆生长的影响,以期深入理解不同水盐处理土壤细菌群落构建机制,并为油莎豆适应性种植及稳产高产提供理论依据。

1　材料与方法

1.1　研究区概况

前郭尔罗斯灌区(44°17′~45°28′N,123°35′~125°18′E)位于吉林省松原市,属温带大陆性季风气候。年平均气温4.5 ℃,年平均降水量430 mm,年平均日照时数2879 h,全年蒸发量在1200 mm以上,无霜期130~140 d。主要土壤类型为风沙土、盐碱土、沼泽土、泥炭土等。研究区土壤盐渍化问题较严重,盐渍化土地面积536.4 km^2,约占灌区总面积41.7%。植物以禾本科植物羊草(*Leymus chinensis*)为主要植被群种,种类繁多。

1.2　试验设计

2021年7月,在前郭尔罗斯灌区选取一片无耕作历史的裸露荒地,土壤类型为风沙土,开展水、盐两因素随机区组野外控制试验。依据我国盐碱土等级划分标准和当地滴灌灌溉定额(2700 m^3·hm^{-2}),设置3个灌溉水平和3个施盐水平,每个处理3个重复,共18个小区。小区为8 m×8 m正方形,小区间预留1 m间距便于采样和观测,试验地总面积约为3025 m^2。在播种前,先对试验样地进行整地,同时对样地土壤施加盐分梯度控制:将NaCl溶于适量去离子水中(去离子水体积为可使溶有NaCl的水分固持在50 cm深土壤层内为标准),再将之均匀喷洒至相应区组土壤表面。施盐梯度水平为对照组无盐胁迫S1、轻度盐胁迫S2(盐分添加至氯离子含量达0.02%~0.04%)、中度盐胁迫S3(盐分添加至氯离子含量达0.04%~0.1%)。完成整地和施盐处理后,进行油莎豆种子点播,每小区内按照行列间隔30 cm播种1颗种子,共播种144颗。采用滴灌方式进行灌溉处理,灌溉梯度水平为W0(50%标准灌溉定额)、W1(70%标准灌溉定额)、W2(100%标准灌溉定额)。在油莎豆全生长季的4个主要时期进行灌溉处理(播种期3次、展叶期2次、开花期2次、结实期2次)。

1.3　测定指标与方法

1.3.1　*植株取样及生长生理指标测定*　2021年9月,在油莎豆结实期于每个小区随机选取5株油莎豆植株,测量每株植株并计算平均株高、冠幅、分蘖数、果实数、地上干重、地下干重以及根冠比。选取植株相同部位、长势一致且健康的叶片测量生理指标,重复取3组,酶偶联法测定羧化酶活性;液相色谱法测定脱落酸含量;蒽酮比色法测定可溶性糖含量;磺基水杨酸浸提法测定脯氨酸含量;愈创木酚法测定过氧化物酶活性;氮蓝四唑法测定超氧化物歧化酶活性;硫代巴比妥酸法测定丙二醛含量。

1.3.2　*土壤取样及土壤细菌测定*　2021年9月,在油莎豆结实期开展土壤取样。各小区按"S"形采样方法选取5个点作为土壤样品取样点,每点取0~20 cm表层土后,将5个点样品混合,取20 g作为1个样本。取样过程中去除植物根、枯落物、动物残体以及其他杂质,取回鲜土后立即过20目筛,每个土样分为2份装入密封袋,每份样品3~5 g。一份密封后立即储存于－80 ℃的干冰中,干冰运输送样,用于16S测序及分析。

使用PowerSoil® DNA Isolation Kit试剂盒(Mo-Bio Laboratories, Carlsbad, CA)提取土壤基因组DNA,完成提取后,然后利用1%琼脂糖凝胶电泳对抽提的基因组DNA进行纯度和质量的检测。对16S rRNA基因的V3~V4区域进行PCR扩增,引物序

列为338F (5′-CCTACCCGAGGCAGCAG-3′)、806R (5′-ATTACCGCCGCTGCTGG-3′)。扩增条件设置为:95 ℃预变性5 min ,95 ℃变性45 s ,55 ℃退火50 s,72 ℃延伸45 s,28个循环。每个样品3次重复,将同一样品的DNA混合,作为每份土壤样品的总DNA。采用2%琼脂糖凝胶电泳检测混合后的PCR产物,然后使用AxyPrepDNA凝胶回收试剂盒(AXYGEN公司)切胶回收PCR产物,用Tris-HCl缓冲液洗脱后,再次使用2%琼脂糖凝胶电泳检测。检测显示合格的PCR产物用于llumina Miseq上机测序,测序工作由某公司协助完成。测序结果使用NCBI数据库的BLAST分析,对OTU代表序列进行比对,对相似性大于97%的OTU单元进行聚类统计分析,得出门、纲、目、科、属、种各水平群落的生物信息。

1.4 数据处理

采用SPSS 25对Alpha多样性指数进行单因素方差分析和Spearman相关性分析,并进行Chao1、Shannon和Simpson多样性指数及物种相关性矩阵计算;使用Gephi(V0.9.7)软件对共现性网络的门水平进行可视化,为降低网络复杂度,仅保留出现一半样本以上且相对丰度占比≥0.1%的细菌门,Spearman相关系数 $|r|\geq 0.8$,显著性 $P<0.05$[20];选取各处理中相对丰度前10%的OTU作为优势OTU;取相对丰度>0.1%的OTU,利用R语言基于Spearman相关性构建分子生态网络(MENs),利用R语言计算微生物各物种的模块内连通性(Z_i)和模块间连通性(P_i),从而确定各群落关键OTU,一般将$Z_i\geq 2.5$或$P_i\geq 0.62$的所有节点定为关键OTU[21];将优势OTU与关键OTU取交集,得到关键菌种。采用Origin 2018绘图和输出结果。

2 结果与分析

2.1 土壤细菌群落组成与多样性

样品共获得11269个细菌OTU,分属47门129纲340目447科687属604种。不同水盐处理下土壤细菌群落Alpha多样性指数间无显著差异($P>0.05$)(表1)。在门水平上,变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteriota)和放线菌门(Actinobacteriota)为优势菌门,占总丰度的61.72%±2.06%。随灌溉量增加,变形菌门相对丰度逐渐增加,酸杆菌门呈先增加后降低趋势,而放线菌门呈先降低后增加趋势。随盐分胁迫程度加深,变形菌门相对丰度逐渐增加,酸杆菌门逐渐降低,而放线菌门呈先降低后增加趋势(图1a)。在属水平上,优

表1 科尔沁沙地水盐处理下土壤细菌群落Alpha多样性指数

Tab. 1 Alpha diversity index of soil bacterial community under different irrigation and salinity treatments in Horqin Sandy Land

处理		Chao1指数	Shannon指数	Coverage指数
灌溉处理	W0	5771.9±690.13a	10.13±0.41a	0.95±0.01a
	W1	5843.85±294.29a	10.27±0.25a	0.95±0.01a
	W2	5928.31±759.23a	10.14±0.49a	0.95±0.01a
施盐处理	S1	5912.15±527.4a	10.25±0.26a	0.95±0.01a
	S2	5971.39±319.48a	10.3±0.14a	0.95±0.01a
	S3	5660.52±843.56a	9.98±0.57a	0.95±0.01a

注:同列相同小写字母代表不同水盐处理下Alpha多样性指数不存在显著差异($P>0.05$,$n=3$)。下同。

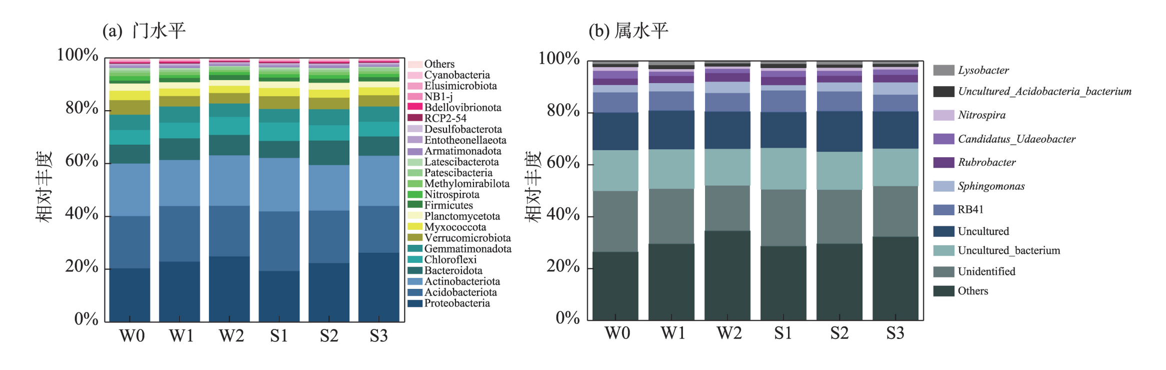


图1 科尔沁沙地水盐处理下土壤细菌相对丰度

Fig. 1 Relative abundance of soil bacteria under different irrigation and salinity treatments in Horqin Sandy Land

势菌属为RB41属(7.52%±1.75%)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)(3.45%±1.51%)和红色杆菌属(*Rubrobacter*)(2.83%±0.59%)。随灌溉量增加,RB41属相对丰度逐渐降低,但鞘氨醇单胞菌属和红色杆菌属逐渐增加。随盐分胁迫程度加深,RB41属相对丰度逐渐降低,鞘氨醇单胞菌属逐渐增加,而红色杆菌属无明显变化趋势(图1b)。

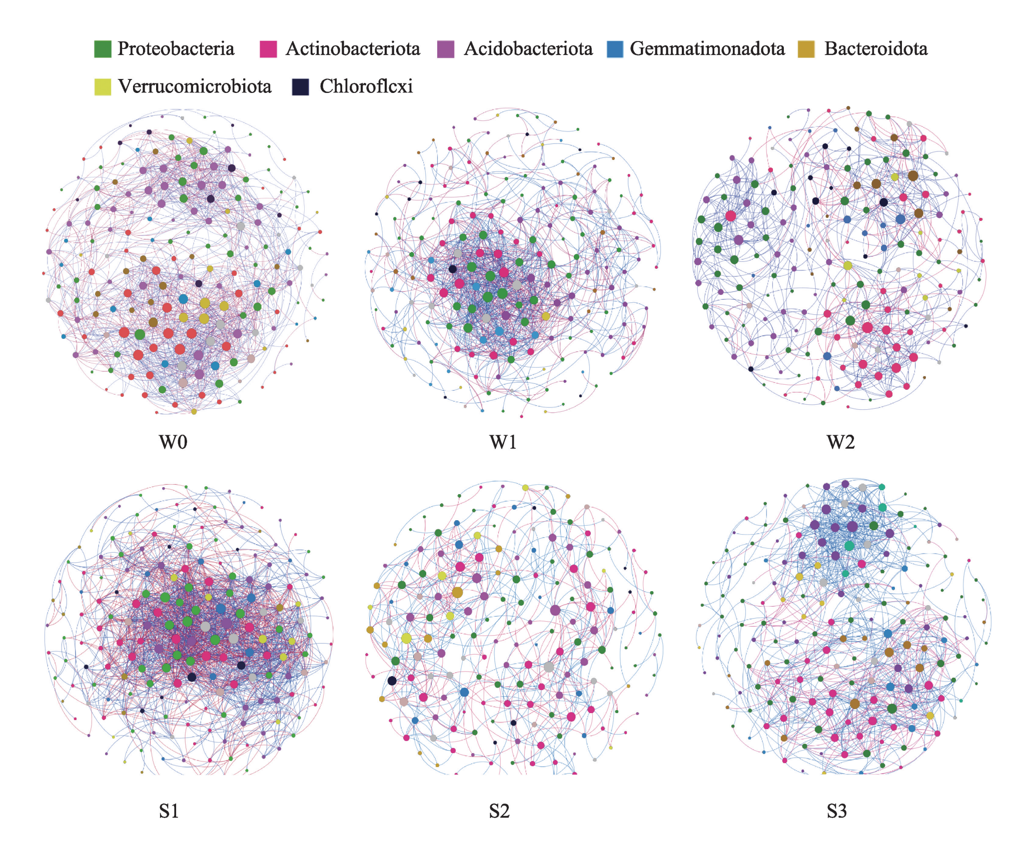
2.2　土壤细菌群落生态网络与关键种

分子生态网络平均路径长度、平均聚类系数和模块性均大于随机网络,说明本文构建的土壤细菌分子生态网络符合基本网络特征(表2)。细菌网络中的节点按门划分,各水盐处理下占比最高的节点均归属于变形菌门、放线菌门和酸杆菌门(图2),占所有节点的68%以上。随灌溉量增加,网络边数呈

表2　科尔沁沙地水盐处理下土壤细菌分子生态网络和随机网络拓扑参数

Tab. 2　Topological parameters of the molecular ecological and random networks of soil bacteria under different irrigation and salinity treatments in Horqin Sandy Land

	拓扑参数	灌溉处理			施盐处理		
		W0	W1	W2	S1	S2	S3
分子生态网络	节点数	189	197	179	185	180	180
	边数	1371	1099	688	1823	564	895
	正相关连接/%	58.21	56.87	78.05	54.14	56.56	75.31
	平均度	14.508	11.157	7.687	19.708	6.267	9.944
	平均路径长度	3.426	4.008	3.978	3.309	4.560	3.775
	平均聚类系数	0.509	0.507	0.491	0.543	0.420	0.460
	模块性	0.488	0.410	0.650	0.328	0.643	0.574
随机网络	平均路径长度	2.230	2.453	2.758	1.998	3.052	2.495
	平均聚类系数	0.073	0.056	0.050	0.108	0.038	0.052
	模块性	0.207	0.250	0.322	0.176	0.361	0.262



注:每个节点代表一个OTU,不同颜色节点表示不同细菌菌门,红色线表示互斥关系,蓝色线表示共存关系。

图2　科尔沁沙地水盐处理下土壤细菌群落生态网络

Fig. 2　Ecological network of soil bacterial community under different irrigation and salinity treatments in Horqin Sandy Land

降低趋势，表明干旱会增大网络规模，增加网络连接数量，网络结构变得更加复杂。在灌溉量为W0时，网络平均度最大、平均路径长度最短、平均聚类系数最大，表明低灌溉量处理细菌种间互作程度、连接紧密度最高，且细菌OTUs间连接更为紧密。在灌溉量为W2时，细菌群落正相关率达78.05%，表明高灌溉量处理细菌种间共存关系更强。随盐分胁迫程度加深，无盐胁迫时，网络边数、平均度、平均聚类系数均达到最高，平均路径长度最短，表明无盐胁迫细菌群落生态网络复杂度、互作程度最高，具有最高连通度。中度盐胁迫时，细菌群落正相关率达到75.31%，表明中度盐胁迫细菌物种之间的共存关系更强。

不同水盐处理分子生态网络显示，W0、W1、W2和S1、S2、S3处理分别有17、33、33个和15、74、17个关键节点（图3）。不同灌溉处理关键菌群均含红色杆菌属，随着灌溉量增加关键菌群有一定的差异。W0处理关键菌群分别隶属于8个菌属；W1处理关键菌群分别隶属于9个菌属，RB41属和JGI0001001-H03属占比最大，分别达37.50%和18.75%；W2处理关键菌群分别隶属于17个菌属，*Candidatus_Udaeobacter*属、芽孢杆菌属（*Bacillus*）和RB41属占比最大，分别达14.29%、9.52%和9.52%。随灌溉量增加，关键菌群数量增加，并且在W1、W2处理下出现优势菌属RB41属。不同盐分胁迫关键菌群差异较大，S1处理关键菌群分别隶属于5个菌属；S2处理关键菌群分别隶属于27个菌属，RB41属、溶杆菌属（*Lysobacter*）和鞘氨醇单胞菌属占比最大，分别达17.14%、8.57%和5.71%；S3处理关键菌群分别隶属于5个菌属（图4）。在盐分梯度为S2时，关键菌群数量达到最大，并且出现优势菌属RB41属和溶杆菌属。

2.3 土壤细菌群落关键菌种与油莎豆生长和生理性状的关系

灌溉量增加，对油莎豆株高、冠幅、分蘖数、地上干重、羧化酶、脯氨酸和超氧物歧化酶活性具有显著影响（$P<0.05$），W0、W1较W2处理，株高、羧化酶活性均显著减少（$P<0.05$），冠幅、脯氨酸含量、超氧物歧化酶活性显著增加（$P<0.05$），W0较W2处理冠幅、分蘖数显著减少（$P<0.05$），W1较W2处理冠幅显著增加（$P<0.05$），地上干重在W1处理达到最高。盐分胁迫程度加深，对油莎豆的株高、地上干重、脱落酸、可溶性糖、过氧化物酶活性和丙二醛具有显著影响（$P<0.05$），S3较S1处理株高显著减少（$P<0.05$），S2较S1处理地上干重显著减少（$P<0.05$），S2、S3较S1处理脱落酸含量显著增加、可溶性糖含量显著减少（$P<0.05$），S2较S1处理过氧化物酶活性显著增加（$P<0.05$）（表3）。

选择不同水盐处理下存在显著差异的生长生理指标与关键菌种进行Spearman相关性热图分析（图5）。结果显示：鞘氨醇单胞菌属与株高呈显著负相关（$P<0.05$）；硝化螺旋菌属（*Nitrospira*）与分蘖数呈极显著负相关（$P<0.01$）；溶杆菌属与羧化酶活性呈极显著负相关（$P<0.01$），与脯氨酸含量和超氧

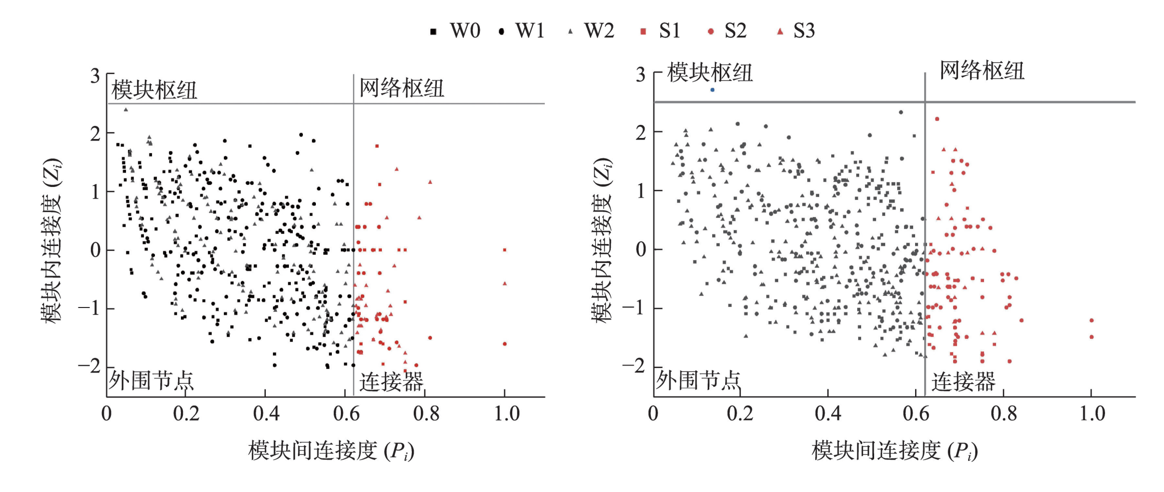


图3 科尔沁沙地水盐处理下土壤细菌分子生态网络Z_i-P_i图

Fig. 3 Z_i-P_i diagram of the molecular ecological network of soil bacteria under different irrigation and salinity treatments in Horqin Sandy Land



图4　科尔沁沙地水盐处理下土壤细菌关键菌群相对丰度

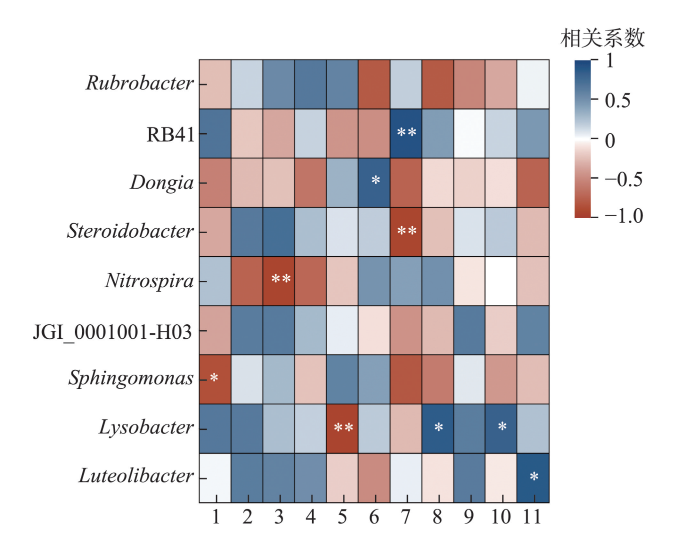
Fig. 4　Relative abundance of keystone bacterial groups of soil bacteria under different irrigation and salinity treatments in Horqin Sandy Land

表3　科尔沁沙地水盐处理下油莎豆生长生理指标

Tab. 3　Growth and physiological indices of *Cyperus esculentus* under different irrigation and salinity treatments in Horqin Sandy Land

生长生理指标	灌溉处理			施盐处理		
	W0	W1	W2	S1	S2	S3
株高/cm	51.81±6.23a	54.7±6.99a	47.70±7.65b	54.48±8.16a	50.85±7.33ab	48.89±5.90b
冠幅/cm	64.61±10.71c	91.94±10.10a	76.70±9.54b	77.30±15.34a	77.63±14.35a	78.33±15.99a
分蘖数	7.33±2.24b	12.44±4.13a	11.22±2.44a	10.56±3.00a	9.44±3.97a	11.00±4.21a
果实数	19.89±10.37a	24.22±9.60a	16.44±9.34a	21.67±10.58a	18.22±6.67a	20.67±12.56a
地上干重/g	18.09±5.42b	25.67±5.29a	23.39±6.42ab	25.84±7.83a	19.75±6.02b	21.56±3.63ab
地下干重/g	15.48±7.28a	19.55±7.64a	15.87±5.87a	19.64±7.75a	14.25±5.12a	17.02±7.39a
根冠比	0.85±0.25a	0.79±0.33a	0.70±0.27a	0.80±0.32a	0.75±0.26a	0.80±0.31a
PEP羧化酶活性/($U\cdot g^{-1}$)	4.88±0.29b	4.55±0.07c	5.21±0.22a	4.83±0.25a	4.76±0.31a	5.05±0.42a
脱落酸ABA/($\mu g\cdot g^{-1}$)	63.11±4.55a	60.50±6.06a	59.33±2.51a	57.55±3.79b	62.63±5.61a	62.76±2.54a
可溶性糖SS/($mg\cdot g^{-1}$)	2.94±0.16a	2.81±0.21a	2.89±0.15a	3.03±0.13a	2.88±0.11b	2.73±0.15c
脯氨酸Pro/($ng\cdot g^{-1}$)	454.97±55.47a	466.02±28.85a	405.66±17.3b	442.28±49.82a	456.32±51.92a	428.06±30.11a
过氧化物酶活性POD/($mU\cdot g^{-1}$)	4.74±0.28a	4.95±0.18a	4.81±0.43a	4.67±0.30b	5.14±0.12a	4.69±0.23b
超氧物歧化酶活性SOD/($U\cdot g^{-1}$)	731.90±53.39b	820.39±31.44a	666.69±42.93c	755.51±93.46a	721.17±64.46a	742.3±74.22a
丙二醛MDA/($nmol\cdot g^{-1}$)	0.99±0.06a	1.02±0.04a	1.03±0.09a	1.02±0.07ab	1.05±0.03a	0.97±0.07b

注:同行不同小写字母代表不同水处理或不同盐处理下存在显著差异($P<0.05$,$n=3$);以上生长生理指标均为各样地选取每株植株均值。



注:1为株高;2为冠幅;3为分蘖数;4为地上干重;5为羧化酶活性;6为脱落酸;7为可溶性糖;8为脯氨酸;9为过氧化物酶活性;10为超氧物歧化酶活性;11为丙二醛。

图5 科尔沁沙地水盐处理下油莎豆生长生理指标与细菌关键菌种的相关性热图

Fig. 5 Heatmap of the correlation between growth and physiological indices of *Cyperus esculentus* under different irrigation and salinity treatments in Horqin Sandy Land and keystone species of bacteria

物歧化酶活性呈显著负相关($P<0.05$);*Dongia*属与脱落酸含量呈显著正相关($P<0.05$);RB41属与可溶性糖含量呈极显著正相关($P<0.01$);类固醇杆菌属(*Steroidobacter*)与可溶性糖含量呈极显著负相关($P<0.01$);*Luteolibacter*属与丙二醛含量呈显著正相关($P<0.05$)。

3 讨 论

3.1 水盐处理下土壤细菌群落结构和网络特征

研究区土壤优势细菌类群为变形菌门、酸杆菌门和放线菌门,这与前人在旱区作物土壤细菌群落结构的研究结果一致[22],可能是由于这些菌门细菌生态幅较宽,并且具有较强适应性,受环境影响不大[23]。放线菌门能产生种类繁杂的抗生素,参与土壤固氮、有机质循环过程,能够促进土壤中动植物残体降解、调整土壤微生物生态平衡[24]。随灌溉量增加,变形菌门呈增加趋势,这是由于高土壤含水量下土壤养分淋溶作用增强导致的[25]。随盐分胁迫程度加深,变形菌门和酸杆菌门均呈增加趋势,两者是盐碱土中典型的嗜盐细菌,具有较好的耐盐性[26]。变形菌门可适应各种复杂环境,其生长速度较快,具有较高的代谢能力和较强的竞争能力[27]。

细菌分子生态网络拓扑结构的变化能够反映其对环境的响应,近年来被广泛应用于微生物生态学研究[28]。本研究发现,灌溉量为W0时,网络边数更多,结构更复杂,细菌之间相互作用更密切,表明在低灌溉量情况下连通性更好,细菌之间的物质、能量和信息等方面具有更高的传递效率。这可能由于土壤含水率较低,土壤孔隙较大,进一步影响细菌群落的直接相互作用[29]。随灌溉量增加,网络模块化程度提高,共存关系占主导地位,增强细菌间共生关系的稳健性[28]。无盐胁迫时,网络边数、平均聚类系数均达到最高,平均路径长度最短,表明低盐分细菌之间连通度更高,且相互作用更加复杂。随盐分胁迫程度加深,正相关率呈增加趋势,这与前人在盐渍土的研究结果一致,高盐度土壤中细菌更多的以偏利共生或互利共生的形式存在,可能是由于高盐分环境使得细菌之间必须加强合作关系,从而对抗盐分胁迫[30]。

3.2 水盐处理下土壤细菌关键菌种与油莎豆植株的关系

研究区不同水盐处理下土壤细菌群落优势菌属为RB41属、鞘脂单胞菌属和红色杆菌属,该结果与前人在干旱区、盐碱地研究结果基本类似[31-32]。关键菌种为红色杆菌属、RB41属、*Dongia*属、类固醇杆菌属、硝化螺旋菌属、鞘氨醇单胞菌属、溶杆菌属。其中,RB41属在W1处理和轻度盐胁迫均为优势关键菌种,溶杆菌属在轻度盐胁迫为优势关键菌种;红色杆菌属在不同灌溉条件下既是优势菌属又是关键菌种,属于放线菌门,其对干旱环境表现出普遍的适应性[33];酸杆菌门的RB41属通常在非施肥土壤富集,适应贫瘠受胁迫的土壤环境,具有特殊的代谢调控机制,能抵抗不利的环境变化[34-35];*Dongia*属被证明能够提高土壤中各营养元素含量[36];类固醇杆菌属被证明具有分解土壤中的几丁质的能力,对多种病原菌进行溶解和抑杀[37];硝化螺旋菌属属于硝化螺旋菌门,这类细菌可促进土壤硝化,最终形成硝酸盐,以提供旱作物所需氮素的主要来源[38];鞘氨醇单胞菌是盐碱地常见优势菌属,能够耐受贫瘠和恶劣环境,也能降解土壤中的有毒物质[39]。盐分增加引起的土壤养分失衡及土壤性质恶化,可能激发鞘氨醇单胞菌防御机制和生物代谢,使鞘氨醇单胞菌属相对丰度增加[35]。溶杆菌属属于变形菌

门,是一种生防细菌,该菌存活能力极强,对生存条件要求低,对油莎豆猝倒病有较好的抑菌效果[40]。

在研究区土壤细菌中,鞘氨醇单胞菌属、硝化螺旋菌属、溶杆菌属、*Dongia*属、RB41属和*Luteolibacter*属均与油莎豆生长生理性状具有显著相关性。鞘氨醇单胞菌属与株高呈显著负相关,鞘氨醇单胞菌属其特殊的代谢调控机制既可以抵抗外界不利的环境变化,也能降解土壤中的有毒物质[35],还可以分泌胞外酶和多种抗菌化合物拮抗病原微生物,减弱其毒性[41],由此推测,油莎豆植株在生物和非生物胁迫下招募此菌属以提高抗病性,故与株高呈显著负相关。硝化螺旋菌属与分蘖数呈极显著负相关,硝化螺旋菌是良好的固氮菌,与硝化细菌共同作用促进植物生长,这些益生菌的存在可能会抑制病菌的生长,从而达到缓解环境胁迫的作用[36]。溶杆菌属与羧化酶活性呈极显著负相关,与脯氨酸含量和超氧物歧化酶活性呈显著负相关,溶杆菌属细菌大都具有典型的溶菌活性,可以抑制多种病原真菌、细菌的生长,进而促进油莎豆生长[42]。脯氨酸作为植物体内重要的有机渗透调节剂之一,能够通过植物自身积累以对抗水盐胁迫[43]。另外,植物在受到胁迫时,自身会通过提高超氧物歧化酶的活性,以减轻所受到的伤害[44]。因此,植物在自身进行调节酶活性以抵抗胁迫时,溶杆菌属细菌并未富集。*Dongia*属与脱落酸含量呈显著正相关,由于脱落酸是一种逆境响应相关的植物激素,油莎豆可以通过调控脱落酸,提高次生代谢物的合成效率来抵御外界非生物胁迫[45]。*Dongia*属作为一种益生菌,对植物的促生及土壤中有害物质的降解有一定的功效,同样可促进油莎豆生长发育[36]。RB41属与可溶性糖含量呈极显著正相关,RB41属是土壤中营养物质的高效利用者,其丰度增加可以给土壤营养带来增效作用从而促进油莎豆的生长发育[46]。当作物遭受盐胁迫时,体内细胞的细胞膜同样受到影响,由于细胞膜透性增大导致质膜氧化加剧,而丙二醛就是膜脂过氧化的终产物,可以作为衡量作物体内细胞膜受损伤程度的指标[47]。*Luteolibacter*属不仅能够参与作物对土壤有机质的分解、利用过程,还能对抗某些作物真菌性病害[48],因此,两者呈显著正相关。不同的生态环境塑造的关键菌种不同,这些关键菌种都能一定程度上对分解和养分循环起到重要作用,影响作物生长,从而维持相应的生态系统[49]。

4　结 论

前郭尔罗斯灌区水盐处理下土壤优势菌门均为变形菌门、酸杆菌门和放线菌门,优势菌属为RB41属、鞘氨醇单胞菌属和红色杆菌属。灌溉量为W0时,网络结构更复杂,细菌种间互作程度、连接紧密度最高,W1、W2处理细菌种间共存关系更强。随灌溉量增加,关键菌群数量增加,并且W1、W2处理出现优势菌属RB41属。无盐胁迫时,细菌群落生态网络复杂度、互作程度最高,具有最高连通度,中度细菌物种之间的共存关系更强。轻度盐胁迫关键菌群数量达到最大,出现优势菌属RB41属和溶杆菌属。在不同水盐处理下,灌溉量变化对油莎豆株高、冠幅、分蘖数、地上干重、羧化酶、脯氨酸和超氧物歧化酶活性具有显著影响($P<0.05$);施盐量变化对油莎豆的株高、地上干重、脱落酸、可溶性糖、过氧化物酶活性和丙二醛具有显著影响($P<0.05$)。关键菌种为红色杆菌属、RB41属、*Dongia*属、类固醇杆菌属、硝化螺旋菌属、鞘氨醇单胞菌属、溶杆菌属和*Luteolibacter*属,可筛选出类固醇杆菌属、硝化螺旋菌属、溶杆菌属和RB41属与油莎豆生长显著相关。

参考文献(References):

[1] Danierhan S, Shalamu A, Tumaerbai H. Effects of emitter discharge rates on soil salinity distribution and cotton (*Gossypium hirsutum* L.) yield under drip irrigation with plastic mulch in an arid region of Northwest China[J]. Journal of Arid Land, 2013, 5(1): 51-59.

[2] 刘玉兰, 王小宁, 舒垚, 等. 不同产地油莎豆性状及组成分析研究[J]. 中国油脂, 2020, 45(8): 125-129. [Liu Yulan, Wang Xiaoning, Shu Yao, et al. Character and composition of *Cyperus esculentus* from different origins[J]. China Oils and Fats, 2020, 45(8): 125-129.]

[3] 王艺臻, 丁国栋, 崔欣然, 等. 盐碱复合胁迫对油沙豆生长和光合特性的影响[J]. 干旱区资源与环境, 2022, 36(5): 146-152. [Wang Yizhen, Ding Guodong, Cui Xinran, et al. Effects of saline-alkali stress on the growth and photosynthetic characteristics of *Cyperus esculentus* and the responses of protective enzymes[J]. Journal of Arid Land Resources and Environment, 2022, 36(5): 146-152.]

[4] 杜宇佳, 高广磊, 陈丽华, 等. 呼伦贝尔沙区土壤细菌群落结构与功能预测[J]. 中国环境科学, 2019, 39(11): 4840-4848. [Du

Yujia, Gao Guanglei, Chen Lihua, et al. Soil bacteria community structure and function prediction in the Hulun Buir Sandy Area[J]. China Environmental Science, 2019, 39(11): 4840–4848.]

[5] 王国基, 柴强, 张玉霞, 等. 干旱区玉米专用菌肥对玉米生长特性的影响[J]. 草地学报, 2015, 23(1): 173–179. [Wang Guoji, Chai Qiang, Zhang Yuxia, et al. Effects of maize special biofertilizer on maize growth in arid area[J]. Acta Agrestia Sinica, 2015, 23(1): 173–179.]

[6] Vurukonda S S K P, Vardharajula S, Shrivastava M, et al. Enhancement of drought stress tolerance in crops by plant growth promoting rhizobacteria[J]. Microbiological Research, 2016, 184: 13–24.

[7] Praveen Kumar G, Mir Hassan Ahmed S K, Desai Suseelendra, et al. In vitro screening for abiotic stress tolerance in potent biocontrol and plant growth promoting strains of *Pseudomonas* and *Bacillus* spp[J]. International Journal of Bacteriology, 2014, 2014: 195946.

[8] 孙韵雅, 陈佳, 王悦, 等. 根际促生菌促生机理及其增强植物抗逆性研究进展[J]. 草地学报, 2020, 28(5): 1203–1215. [Sun Yunya, Chen Jia, Wang Yue, et al. Advances in growth promotion mechanisms of PGPRs and their effectson improving plant stress tolerance[J]. Acta Agrestia Sinica, 2020, 28(5): 1203–1215.]

[9] Etesami H, Glick B R. Halotolerant plant growth-promoting bacteria: Prospects for alleviating salinity stress in plants[J]. Environmental and Experimental Botany, 2020, 178: 104124.

[10] Orhan F. Alleviation of salt stress by halotolerant and halophilic plant growth-promoting bacteria in wheat (*Triticum aestivum*) [J]. Brazilian Journal of Microbiology, 2017, 47(3): 621–627.

[11] Pankaj U, Singh D N, Mishra P, et al. Autochthonous halotolerant plant growth-promoting rhizobacteria promote bacoside A yield of *Bacopa monnieri* (L.) Nash and phytoextraction of salt-affected soil [J]. Pedosphere, 2020, 30(5): 671–683.

[12] 李媛媛, 徐婷婷, 艾喆, 等. 锦鸡儿属植物功能性状与根际土壤细菌群落结构的关系[J]. 草业学报, 2022, 31(7): 38–49. [Li Yuanyuan, Xu Tingting, Ai Zhe, et al. Relationship between plant functional traits and rhizosphere bacterial community structure of two *Caragana species*[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2022, 31(7): 38–49.]

[13] Fuhrman J A. Microbial community structure and its functional implications[J]. Nature, 2009, 459(7244): 193–199.

[14] Dai L X, Zhang G C, Yu Z P, et al. Effect of drought stress and developmental stages on microbial community structure and diversity in peanut rhizosphere soil[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2019, 20(9): 2265.

[15] 徐扬, 张冠初, 丁红, 等. 花生根际土壤细菌群落对干旱和盐胁迫的响应[J]. 中国油料作物学报, 2020, 42(6): 985–993. [Xu Yang, Zhang Guanchu, Ding Hong, et al. Response of rhizosphere bacterial community structure associated with peanut (*Arachis hypogaea* L.) to high salinity and drought stress[J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2020, 42(6): 985–993.]

[16] Canfora L, Bacci G, Pinzari F, et al. Salinity and bacterial diversity: to what extent does the concentration of salt affect the bacterial community in a saline soil? [J]. PloS one, 2014, 9(11): e114658.

[17] Banerjee S, Schlaeppi K, van der Heijden M G A. Keystone taxa as drivers of microbiome structure and functioning[J]. Nature Reviews. Microbiology, 2018, 16(9): 567–576.

[18] Banerjee S, Walder F, Buchi L, et al. Agricultural intensification reduces microbial network complexity and the abundance of keystone taxa in roots[J]. The ISME Journal, 2019, 13(7): 1722–1736.

[19] Chen Z J, Zheng Y, Ding C Y, et al. Integrated metagenomics and molecular ecological network analysis of bacterial community composition during the phytoremediation of cadmium-contaminated soils by bioenergy crops[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2017, 145: 111–118.

[20] Kang Y L, An X R, Ma Y W, et al. Organic amendments alleviate early defoliation and increase fruit yield by altering assembly patterns and of microbial communities and enzymatic activities in sandy pear (*Pyrus pyrifolia*)[J]. AMB Express, 2021, 11(1): 164.

[21] 胡晓婧, 刘俊杰, 魏丹, 等. 东北黑土区不同纬度农田土壤真菌分子生态网络比较[J]. 应用生态学报, 2018, 29(11): 3802–3810. [Hu Xiaojing, Liu Junjie, Wei Dan, et al. Comparison on fungal molecular ecological networks of agricultural soils with different latitudes in the black soil region of Northeast China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2018, 29(11): 3802–3810.]

[22] 邓超超, 李玲玲, 谢军红, 等. 耕作措施对陇中旱农区土壤细菌群落的影响[J]. 土壤学报, 2019, 56(1): 207–216. [Deng Chaochao, Li Lingling, Xie Junhong, et al. Effects of tillage on soil bacterial community in the dryland farming area of central Gansu[J]. Acta Pedologica Sinica, 2019, 56(1): 207–216.]

[23] 杨立宾, 隋心, 崔福星, 等. 汤旺河国家公园不同演替阶段森林土壤细菌多样性变化规律[J]. 环境科学研究, 2019, 32(3): 458–464. [Yang Libin, Sui Xin, Cui Fuxing, et al. Soil bacterial diversity between different forest successional stages in Tangwang River National Park[J]. Research of Environmental Sciences, 2019, 32(3): 458–464.]

[24] Bhatti A A, Haq S, Bhat R A. *Actinomycetes* benefaction role in soil and plant health[J]. Microbial Pathogenesis, 2017, 111: 458–467.

[25] 徐飞, 张拓, 怀宝东, 等. 土地利用变化对松花江下游湿地土壤真菌群落结构及功能的影响[J]. 环境科学, 2021, 42(5): 2531–2540. [Xu Fei, Zhang Tuo, Huai Baodong, et al. Effects of land use changes on soil fungal community structure and function in the riparian wetland along the downstream of the Songhua River [J]. Environmental Science, 2021, 42(5): 2531–2540.]

[26] Zheng W, Xue D M, Li X Z, et al. The responses and adaptations of microbial communities to salinity in farmland soils: A molecular ecological network analysis[J]. Applied Soil Ecology, 2017, 120: 239–246.

[27] Pang Z Q, Chen J, Wang T H, et al. Linking plant secondary metabolites and plant microbiomes: A review[J]. Frontiers in Plant Science, 2021,12: 621276.

[28] Yuan M M, Guo X, Wu L W, et al. Climate warming enhances microbial network complexity and stability[J]. Nature Climate Change, 2021, 11(4): 343–348.

[29] Zhou H, Gao Y, Jia X H, et al. Network analysis reveals the strengthening of microbial interaction in biological soil crust development in the Mu Us Sandy Land, northwestern China[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2020, 144: 107782.

[30] 颜培, 杜远达, 姜爱霞, 等. 黄河三角洲土壤真菌群落结构及互作网络对盐度的响应[J]. 分子植物育种, 2021, 19(11): 3818-3828. [Yan Pei, Du Yuanda, Jiang Aixia, et al. Response of soil fungal community structures and interaction networks to salinity in the Yellow River Delta[J]. Molecular Plant Breeding, 2021, 19(11): 3818-3828.]

[31] 许小虎, 车宗贤, 赵旭, 等. 长期施用绿肥对小麦玉米间作土壤微生物的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2023, 41(1): 33-44. [Xu Xiaohu, Che Zongxian, Zhao Xu, et al. Effects of long-term application of green manure on soil microorganisms in wheat maize intercropping[J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2023, 41(1): 33-44.]

[32] 谭海霞, 彭红丽, 葛振宇, 等. 盐碱土壤修复菌剂对耐盐蒲公英根际土壤微生物群落多样性的影响[J]. 农业生物技术学报, 2023, 31(1): 156-164. [Tan Haixia, Peng Hongli, Ge Zhenyu, et al. Effects of salt-alkali soil remediation agents on microbial community diversity rhizosphere soil[J]. Journal of Agricultural Biotechnology, 2023, 31(1): 156-164.]

[33] 李靖宇, 杨瑞, 段晓敏, 等. 白芨滩地区不同生物土壤结皮类型对微生物群落结构和组成的影响[J]. 生态与农村环境学报, 2023, 39(1): 97-106. [Li Jingyu, Yang Rui, Duan Xiaomin, et al. Effects of different biological soil crust types on microbial community structure and composition in Baijitan, China[J]. Journal of Ecology and Rural Environment, 2023, 39(1): 97-106.]

[34] Ai C, Zhang S Q, Zhang X, et al. Distinct responses of soil bacterial and fungal communities to changes in fertilization regime and crop rotation[J]. Geoderma, 2018, 319: 156-166.

[35] 张英英, 魏玉杰, 吴之涛, 等.不同种植年限对特殊药材土壤化学性质和微生物多样性的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2023, 41(1): 150-159. [Zhang Yingying, Wei Yujie, Wu Zhitao, et al. Effects of different cropping years on soil chemical properties of special medicine source plant[J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2023, 41(1): 150-159.]

[36] 黎妍妍, 李亚培, 孙玉晓, 等. 外源橙皮素对烟草青枯病及根围土壤细菌群落的影响[J]. 中国烟草科学, 2022, 43(5): 38-43. [Li Yanyan, Li Yapei, Sun Yuxiao, et al. The effects of exogenous hesperetin on tobacco bacterial wilt infection and bacterial community of rhizosphere soil[J]. Chinese Tobacco Science, 2022, 43(5): 38-43.]

[37] 张帆, 谢琛, 肖宝莹, 等. 木醋液对番茄根际土壤理化性质及细菌群落多样性的影响[J/OL]. 吉林农业大学学报: 1-8[2023-11-04]. https://doi.org/10.13327/j.jjlau.2022.1751. [Zhang Fan, Xie Chen, Xiao Baoying, et al. Effects of wood vinegar on physicochemical properties and bacteria community diversity of tomato rhizosphere soil[J]. Journal of Jilin Agricultural University: 1-8[2023-11-04]. https://doi.org/10.13327/j.jjlau.2022.1751.]

[38] 钟融, 王培如, 孙培杰, 等. 长年耕作对北方旱作麦田土壤细菌群落结构及理化性质的影响[J]. 环境科学, 2023, 44(10): 5800-5812. [Zhong Rong, Wang Peiru, Sun Peijie, et al. Effects of long-term tillage on soil bacterial community structure and physicochemical properties of dryland wheat fields in Northern China[J]. Environmental Science, 2023, 44(10): 5800-5812.]

[39] Zhang Y, Gao Q Z, Ganjurjav H, et al. Grazing exclusion changed the complexity and keystone species of alpine meadows on the Qinghai-Tibetan Plateau[J]. Frontiers in Ecology and Evolution, 2021, 9: 638157.

[40] 杨馥霞, 汤玲, 贺欢, 等. 不同熏蒸剂对草莓连作土壤养分和微生物群落的影响[J]. 微生物学通报, 2023, 50(6): 2452-2467. [Yang Fuxia, Tang Ling, He Huan, et al. Effects of different fumigants on soil nutrients and microbial communities of strawberry continuous cropping[J]. Microbiology China, 2023, 50(6): 2452-2467.]

[41] Liu H W, Brettell L E, Qiu Z G, et al. Microbiome-mediated stress resistance in plants[J]. Trends in Plant Science, 2020, 25(8): 733-743.

[42] Shemshura O N, Bekmakhanova N E, Mazunina M N, et al. Isolation and identification of nematode-antagonistic compounds from the fungus *Aspergillus* candidus[J]. FEMS microbiology letters, 2016, 363(5): fnw026.

[43] 刘铎, 丛日春, 党宏忠, 等. 柳树幼苗渗透调节物质对中、碱性钠盐响应的差异性[J]. 生态环境学报, 2014, 23(9): 1531-1535. [Liu Duo, Cong Richun, Dang Hongzhong, et al. Comparative effects of salt and alkali stresses on plant physiology of willow[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2014, 23(9): 1531-1535.]

[44] 梁培鑫, 唐榕, 郭睿, 等. 混合盐碱胁迫对油莎豆生长及生理性状的影响[J]. 干旱区资源与环境, 2022, 36(10): 185-192. [Liang Peixin, Tang Rong, Guo Rui, et al. Effect of mixed salt-alkaline stress on growth and physiological characteristics in *Cyperus esculentus* L[J]. Journal of Arid Land Resources and Environment, 2022, 36(10): 185-192.]

[45] Isah T. Stress and defense responses in plant secondary metabolites production[J]. Biological Research, 2019, 52(1): 1-25.

[46] 李倩, 袁玲, 杨水平, 等. 连作对黄花蒿生长及土壤细菌群落结构的影响[J]. 中国中药杂志, 2016, 41(10): 1803-1810. [Li Qian, Yuan Ling, Yang Shuiping, et al. Influence of continuous cropping on growth of *Artemisia annua* and bacterial communities in soil[J]. China Journal of Chinese Materia Medica, 2016, 41(10): 1803-1810.]

[47] 钟旻依, 张新全, 杨昕颖, 等. 植物对重金属铬胁迫响应机制的研究进展[J]. 草业科学, 2019, 36(8): 1962-1975. [Zhong Minyi, Zhang Xinquan, Yang Xinying, et al. Recent advances in plant response to chromium stress[J]. Pratacultural Science, 2019, 36(8): 1962-1975.]

[48] 牛倩云, 韩彦莎, 徐丽霞, 等. 作物轮作对谷田土壤理化性质及谷子根际土壤细菌群落的影响[J]. 农业环境科学学报, 2018, 37(12): 2802-2809. [Niu Qianyun, Han Yansha, Xu Lixia, et al. Effects of crop rotation on soil physicochemical properties and bacterial community of foxtail millet rhizosphere soil[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2018, 37(12): 2802-2809.]

[49] 吴桐桐, 徐基胜, 周云鹏, 等. 黄河三角洲不同生境土壤理化特性及细菌群落结构特征[J]. 农业环境科学学报, 2022, 41(10): 2250-2261. [Wu Tongtong, Xu Jisheng, Zhou Yunpeng, et al. Variation in soil properties and bacterial community composition of different habitat soils in the Yellow River Delta, China[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2022, 41(10): 2250-2261.]

Effects of irrigation and salinity treatments on the soil bacterial community and plant physiological characteristics of *Cyperus esculentus* farmland in Horqin Sandy Land

WU Rui[1,2,3], CAO Hongyu[1,2,3], GAO Guanglei[1,2,3], YU Minghan[1,2,3],
DING Guodong[1,2,3], ZHANG Ying[1,2,3], ZHAO Peishan[1,2,3]

(1. School of Soil and Water Conservation, Beijing Forestry University, Engineering Research Centre of Forestry Ecological Engineering, Ministry of Education, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China; 2. Yanchi Ecology Research Station of the Mu Us Desert, Yanchi 751500, Ningxia, China; 3. Key Laboratory of State Forestry and Grassland Administration on Soil and Water Conservation, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China)

Abstract: To reveal the soil bacterial community structure and its effects on *Cyperus esculentus*, affected by different irrigation and salinity treatments in the Qian Gorlos Irrigation District, a random plot sampling experiment was conducted using two-factor, three-level (irrigation level: 50%, 70%, and 100% standard irrigation quota; salt level: control group, mild salinity stress, and moderate salinity stress). Comparative analysis of soil bacterial community characteristics in *C. esculentus* cropland under different irrigation and salinity treatments was performed. Simultaneously, the molecular ecological network of soil bacteria was constructed to determine the keystone species and its interrelationship with *C. esculentus* growth. Results showed that (1) The dominant phyla of soil bacteria in *C. esculentus* cropland were Proteobacteria (22.85% ± 3.80%), Acidobacteriota (20.02% ± 3.21%), and Actinobacteriota (18.85% ± 2.41%). The dominant genera were RB41, *Sphingomonas*, and *Rubrobacter*. Bacterial alpha diversity differed insignificantly under different irrigation or salinity treatments ($P > 0.05$). With increasing irrigation, the relative abundance of Proteobacteria gradually increased, whereas that of RB41 gradually decreased. The same trend was observed with increasing salinity stress. (2) The co-existence relationship between bacterial species was stronger in 100% standard irrigation quota treatments, with a positive correlation rate of 78.05%. Additionally, the degree of interactions and tightness of connections between bacterial species was highest at 50% standard irrigation quota treatments. The highest ecological network complexity and degree of interactions among bacterial communities were found in control group soils, and stronger co-existence relationships among bacterial species were found in moderate salinity soils, with a positive correlation rate of 75.31%. (3) The number of keystone species increased with increasing irrigation. Additionally, the RB41 genus appeared under 70% and 100% standard irrigation quota treatments. Significant differences were observed in keystone species under different salinity stresses. At an S2 salinity gradient, the number of keystone species reached a maximum, with the emergence of the dominant genera RB41 and *Lysobacter*. The keystone species were *Rubrobacter*, RB41, *Dongia*, *Steroidobacter, Nitrospira*, *Lysobacter,* and *Luteolibacter*. (4) Variations in irrigation significantly affected plant height, crown size, number of tillers, above-ground dry weight, carboxylase activity, proline, and superoxide dismutase activities of *C. esculentus* plants ($P < 0.05$). Changes in salt application significantly affected plant height, above-ground dry weight, abscisic acid, soluble sugar, peroxidase activity, and malondialdehyde in *C. esculentus* ($P < 0.05$). The final screening was performed to conclude that *Lysobacter, Nitrospira, Lysobacter, Dongia*, RB41, *Steroidobacter*, and *Luteolibacter* were significantly associated with the growth and physiological traits of *C. esculentus* ($P < 0.05$). The soil bacterial community composition, molecular network, and keystone species were changed as a result of different irrigation or salt treatments, and keystone species were significantly associated with the growth of *C. esculentus.* This improved information contributes to a better understanding of the soil bacterial community structure and its ecological function in *C. esculentus* cropland and provides a theoretical basis for adaptive planting and stable and high yield of *C. esculentus.*

Keywords: irrigation or salinity treatments; bacterial community structure; keystone species; co-occurrence network; *Cyperus esculentus*; Horqin Sandy Land